メタゲノムデータ解析手順

1. Flye [v2.9.4]を用いて、取得したシーケンスリードに対しメタゲノムモードでアセンブルを行いました。指定しているオプションは、--meta となります。

2. seqkit [v2.6.1]を用いて、(1)で取得したアセンブリ配列から1000塩基未満のコンティグを削除しました。

3. Prokka [version 1.14.6]を用いて、(2)で取得したアセンブリ配列から遺伝子領域を推定しました。指定しているオプションは、--rawproduct --mincontiglen 1000 となります。

4. QUAST [v5.2.0]を用いて、(2)で取得したアセンブリ配列のコンティグ数、全長、GC含量などを評価しました。オプションはデフォルトとなります。

5. Melon [v0.2.0]を用いて、取得したシーケンスリード配列の生物系統情報を推定しました。オプションはデフォルトとなります。生物系統推定に使用したデータベースのバージョンは、GTDB R220 となります。